

1/17

**Figure 1 : Alignment of the BASB030 polynucleotide sequences.**

**Identity to SeqID No:1 is indicated by a dot, and a dash ("-") indicates a missing nucleotide.**

```

          *           20           *           40           *
Seqid1 : ATGAATACCAAACAGACAAAATCATTTCGGTCTCTTTGTCGCAACCGC : 50
Seqid3 : ..... : 50
Seqid5 : ..... : 50

          60           *           80           *           100
Seqid1 : CGCCTTTCAGACAGCATCTGCAGGAAACATTACAGACATCAAAGTTTCCT : 100
Seqid3 : ..... : 100
Seqid5 : .....G..... : 100

          *           120           *           140           *
Seqid1 : CCCTGCCCCAACAAACAGAAAATCGTCAAAGTCAGCTTTGACAAAGAGATT : 150
Seqid3 : ..... : 150
Seqid5 : ..... : 150

          160           *           180           *           200
Seqid1 : GTCAACCCGACCGGCTTCGTAACCTCCTCACCGGCCCGCATCGCCTTGGA : 200
Seqid3 : ..... : 200
Seqid5 : ..... : 200

          *           220           *           240           *
Seqid1 : CTTTGAACAAACCGGCATTTCCATGGATCAACAGGTACTCGAATATGCCG : 250
Seqid3 : ..... : 250
Seqid5 : ..... : 250

          260           *           280           *           300
Seqid1 : ATCCTCTGTTGAGCAAAATCAGTGCCGCACAAAACAGCAGCCGTGCGCGT : 300
Seqid3 : ..... : 300
Seqid5 : ..... : 300

```



## 3/17

Seqid5 : .....G.....G..... : 649

660 \* 680 \* 700  
Seqid1 : AACAGGCGGCAGCACCAGCAAAACAAACCAATATCGATTTCCGCAAAGAC : 699  
Seqid3 : ..... : 699  
Seqid5 : ..... : 699

\* 720 \* 740 \*  
Seqid1 : GGCAAAAATGCCGGCATTATCGAATTGGCTGCATTGGGCTTTGCCGGGCA : 749  
Seqid3 : ..... : 749  
Seqid5 : ..... : 749

760 \* 780 \* 800  
Seqid1 : GCCCGACATCAGCCAACAGCACGACCACATCATCGTTACGCTGAAAAACC : 799  
Seqid3 : ..... : 799  
Seqid5 : ..... : 799

\* 820 \* 840 \*  
Seqid1 : ATACCCTGCCGACCAGCTCCAACGCAGTTTGGATGTGGCAGACTTTAAA : 849  
Seqid3 : ..... : 849  
Seqid5 : ..... : 849

860 \* 880 \* 900  
Seqid1 : ACACCGGTTCAAAAGGTTACGCTGAAACGCCTCAATAACGACACCCAGCT : 899  
Seqid3 : ..... : 899  
Seqid5 : ..... : 899

\* 920 \* 940 \*  
Seqid1 : GATTATCACAACAGCCGGCAACTGGGAACTCGTCAACAAATCCGCCGCGC : 949  
Seqid3 : ..... : 949  
Seqid5 : ..... : 949

960 \* 980 \* 1000

## 4/17

Seqid1 : CCGGATACTTTACCTTCCAAGTCCTGCCGAAAAACAAAACCTCGAGTCA : 999  
Seqid3 : ..... : 999  
Seqid5 : ..... : 999

\* 1020 \* 1040 \*  
Seqid1 : GGCGGCGTGAACAATGCGCCCAAAACCTTCACAGGCCGAAAATCTCCCT : 1049  
Seqid3 : ..... : 1049  
Seqid5 : ..... : 1049

1060 \* 1080 \* 1100  
Seqid1 : TGACTTCCAAGATGTCGAAATCCGCACCATCCTGCAGATTTTGGCAAAAG : 1099  
Seqid3 : ..... : 1099  
Seqid5 : ..... : 1099

\* 1120 \* 1140 \*  
Seqid1 : AATCCGGGATGAACATTGTTGCCAGCGACTCCGTCAACGGCAAAATGACC : 1149  
Seqid3 : ..... : 1149  
Seqid5 : .....A..... : 1149

1160 \* 1180 \* 1200  
Seqid1 : CTCTCCCTCAAAGACGTACCTTGGGATCAGGCTTTGGATTGGTTATGCA : 1199  
Seqid3 : ..... : 1199  
Seqid5 : .....G..T..G..... : 1199

\* 1220 \* 1240 \*  
Seqid1 : GGCACGCAACCTCGATATGCGCCAACAAGGGAACATCGTCAACATCGCGC : 1249  
Seqid3 : ..... : 1249  
Seqid5 : ...G.....G.....T..... : 1249

1260 \* 1280 \* 1300  
Seqid1 : CCCGCGACGAGCTGCTTGCCAAAGACAAAGCCTTCTTACAGGCGGAAAAA : 1299  
Seqid3 : ..... : 1299  
Seqid5 : .....C.....A..... : 1299



6/17

```
Seqid5 : ..... : 1649
```

	1660	*	1680	*	1700
Seqid1 :	CGCATTCGGCTGGGGGGGTAAACTCCGGCTTCGGCGGCGACGATAAATGGG				: 1699
Seqid3 :	.....				: 1699
Seqid5 :	.....				: 1699

```

*          1720          *          1740          *
Seqid1 : GGGCCGAAACCAAAATCAACCTGCCGATTACCGCTGCCGCAAACAGCATT : 1749
Seqid3 : ..... : 1749
Seqid5 : ..... : 1749

```

	1760	*	1780	*	1800
Seqid1 :	TCGCTGGTGCGCGCGATTTCTCCGGTGCCTTGAATTTGGAATTGTCCGC				: 1799
Seqid3 :	.....				: 1799
Seqid5 :	.....				: 1799

	*	1820	*	1840	*
Seqid1 :	ATCCGAATCGCTTTCAAAAACCAAAACGCTTGCCAATCCGCGCGTGCTGA				: 1849
Seqid3 :	.....				: 1849
Seqid5 :	.....				: 1849

	1860	*	1880	*	1900	
Seqid1 :	CCCCAAAACCGCAAAGAGGCCAAAATCGAATCCGGTTACGAAATTCCTTTC					: 1899
Seqid3 :	.....					: 1899
Seqid5 :	.....					: 1899

	*	1920	*	1940	*
Seqid1 :	ACCGTAACCTCAATCGCGAACGGCGGCAGCAGCACGAAACAGGAACTCAA				: 1949
Seqid3 :	.....				: 1949
Seqid5 :	.....				: 1949

1960                   \*                   1980                   \*                   2000

7/17

Seqid1 : AAAAGCCGTCTTGGGGCTGACCGTTACGCCGAACATCACGCCCCGACGGCC : 1999  
Seqid3 : ..... : 1999  
Seqid5 : ..... : 1999

\* 2020 \* 2040 \*  
Seqid1 : AAATCATTATGACCGTCAAAATCAACAAGGACTCGCCTGCGCAATGTGCC : 2049  
Seqid3 : ..... : 2049  
Seqid5 : ..... : 2049

2060 \* 2080 \* 2100  
Seqid1 : TCCGGTAATCAGACGATCCTGTGTATTTGACCAAAAACCTGAATACGCA : 2099  
Seqid3 : ..... : 2099  
Seqid5 : ..... : 2099

\* 2120 \* 2140 \*  
Seqid1 : GGCTATGGTTGAAAACGGCGGCACATTGATTGTCGGCGGTATTTATGAAG : 2149  
Seqid3 : ..... : 2149  
Seqid5 : ..... : 2149

2160 \* 2180 \* 2200  
Seqid1 : AAGACAACGGCAATACGCTGACCAAAAGTCCCCCTGTTGGGCGACATCCCC : 2199  
Seqid3 : ..... : 2199  
Seqid5 : ..... : 2199

\* 2220 \* 2240 \*  
Seqid1 : GTTATCGGCAACCTCTTTAAACACGCGGGAAAAAACCGACCGCCGCGA : 2249  
Seqid3 : ..... : 2249  
Seqid5 : ..... : 2249

2260 \* 2280 \* 2300  
Seqid1 : ACTGCTGATTTTCATTACCCCGAGGATTATGGGTACGGCCGGAACAGCC : 2299  
Seqid3 : ..... : 2299  
Seqid5 : ..... : 2299

8/17

\*

Seqid1 : TGCGCTATTGA : 2310

Seqid3 : ..... : 2310

Seqid5 : ..... : 2310



## 9/17

**Figure 2 : Alignment of the BASB030 polypeptide sequences.  
Identity to SeqID No:2 is indicated by a dot.**

```

          *          20          *          40          *
Seqid2 : MNTKLTKIISGLFVATAAFQTASAGNITDIKVSSLPNKQKIVKVSFDKEI : 50
Seqid4 : ..... : 50
Seqid6 : ..... : 50

          60          *          80          *          100
Seqid2 : VNPTGFVTSSPARIALDFEQTGISMDQQVLEYADPLLSKISAAQNSSRAR : 100
Seqid4 : ..... : 100
Seqid6 : ..... : 100

          *          120          *          140          *
Seqid2 : LVLNLNKPQQYNTEVRGNKVWIFINESDDTVSAPARPAVKAAPAAPAKQQ : 150
Seqid4 : ..... : 150
Seqid6 : ..... : 150

          160          *          180          *          200
Seqid2 : GCRTVYQVRSIRIQTLYPGKTTAAAPFTESVSVSAPFSPAKQQAASAK : 200
Seqid4 : AAAPSTKSAVSVSKPFT.A.QQ..... : 200
Seqid6 : AAAPSTKSAVSVSEPFT.A.QQ..... : 200

          *          220          *          240          *
Seqid2 : QQTAAPAKQQTAAPAKQQAAPAKQTNIDFRKDGKNAGIIELAALGFAGQ : 250
Seqid4 : ..... : 250
Seqid6 : ..A.....A..... : 250

          260          *          280          *          300
Seqid2 : PDISQQHDHIIIVTLKNHTLPTTLQRSLDVADFKTPVQKVTLKRLNNDTQL : 300
Seqid4 : ..... : 300
Seqid6 : ..... : 300

```

10/17

                  \*          320                  \*          340                  \*  
Seqid2 : IITTAGNWELVNKSAAPGYFTFQVLPKKQNLES GG VNNAPKTFTGRKISL : 350  
Seqid4 : ..... : 350  
Seqid6 : ..... : 350

                  360                  \*          380                  \*          400  
Seqid2 : DFQDVEIRTI LQILAKESGMNIVASDSVNGKMTLSLKDVPWDQALDLVMQ : 400  
Seqid4 : ..... : 400  
Seqid6 : ..... : 400

                  \*          420                  \*          440                  \*  
Seqid2 : ARNLDMRQQGNIVNIAPRDELLAKDKAFLQAEKDIADLGALYSQNFQLKY : 450  
Seqid4 : ..... : 450  
Seqid6 : .....L..... : 450

                  460                  \*          480                  \*          500  
Seqid2 : KNVEEFRSILRLDNADTTGNRNTLVSGRGSVLIDPATNTLIVTDTRSVIE : 500  
Seqid4 : ..... : 500  
Seqid6 : .....I..... : 500

                  \*          520                  \*          540                  \*  
Seqid2 : KFRKLIDELDVPAQQVMIEARIVEAADGFSRDLGVKFGATGKKKKLKN DTS : 550  
Seqid4 : ..... : 550  
Seqid6 : ..... : 550

                  560                  \*          580                  \*          600  
Seqid2 : AFGWGVNSGFGGDDKWAETKINLPITAAANSISLVRAISSGALNLELSA : 600  
Seqid4 : ..... : 600  
Seqid6 : ..... : 600

                  \*          620                  \*          640                  \*  
Seqid2 : SESLSKTKTLANPRVLTQNRKEAKIESGYEIPFTVTTSIANGGSSTNTE LK : 650

11/17

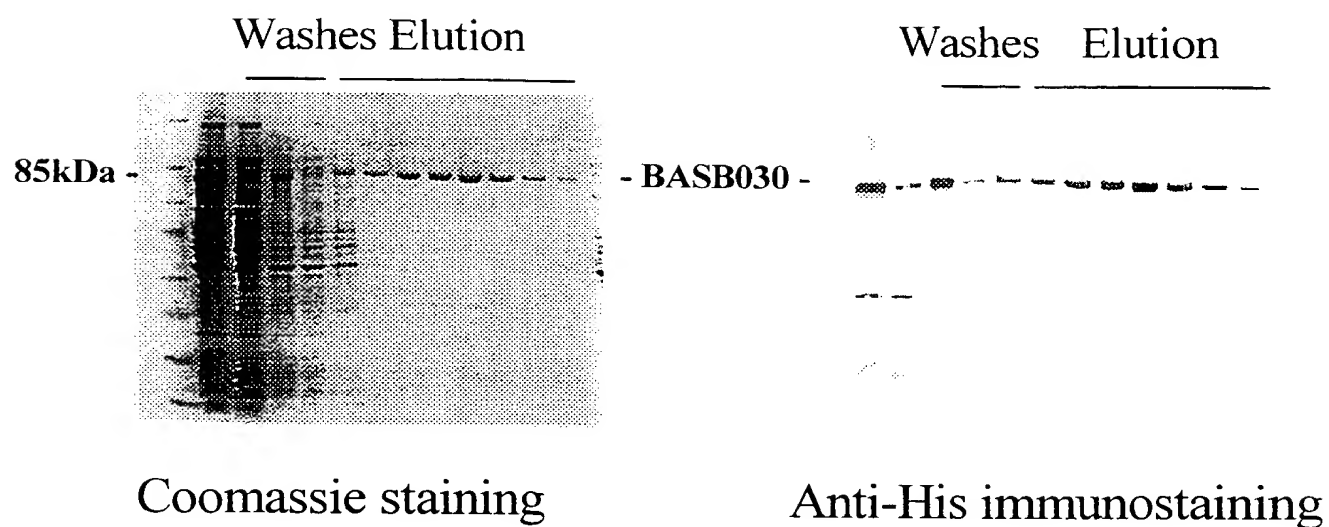
Seqid4 : ..... : 650  
Seqid6 : ..... : 650

660 \* 680 \* 700  
Seqid2 : KAVLGTLVTPNITPDGQIIMTVKINKDSPAQCASGNQTIILCISTKNLNTQ : 700  
Seqid4 : ..... : 700  
Seqid6 : ..... : 700

\* 720 \* 740 \*  
Seqid2 : AMVENGGTLIVGGIYEEDNGNTLTKVPLLGDIPVIGNLFKTRGKKTDRRE : 750  
Seqid4 : ..... : 750  
Seqid6 : ..... : 750

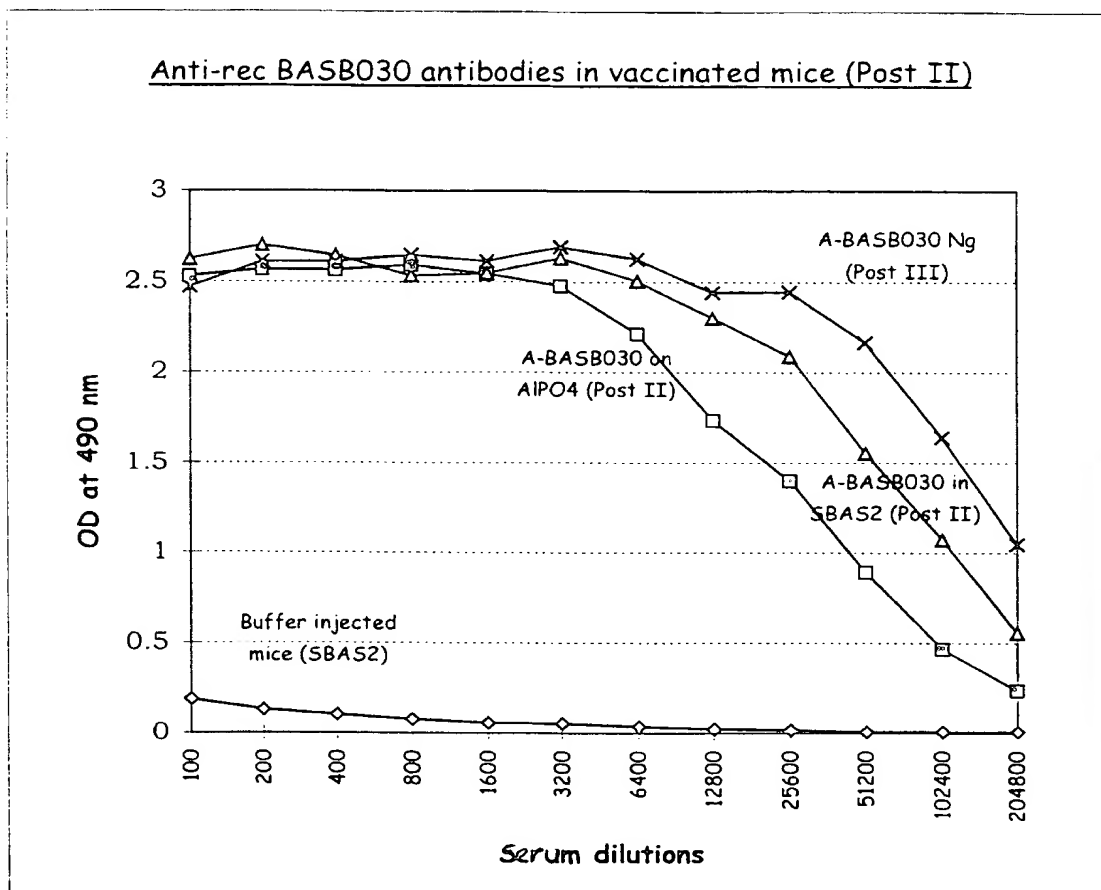
760  
Seqid2 : LLIFITPRIMGTAGNSLRY : 769  
Seqid4 : ..... : 769  
Seqid6 : ..... : 769

12/17

**Figure 3. Expression and purification of recombinant BASB030 in *E. coli*.**

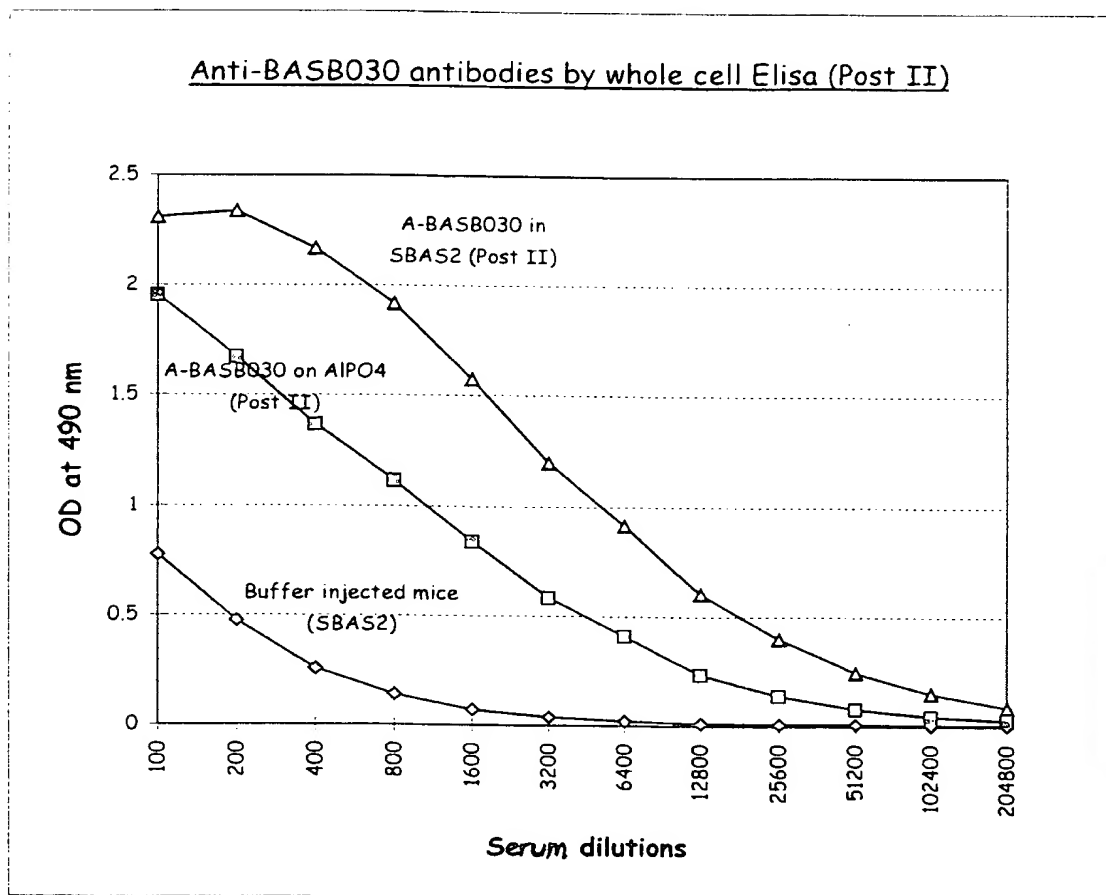
13/17

**Figure 4 : Immunogenicity of the native BASB030 polypeptide. Analysis of the anti-native BASB030 polypeptide on recombinant BASB030 by Elisa.**



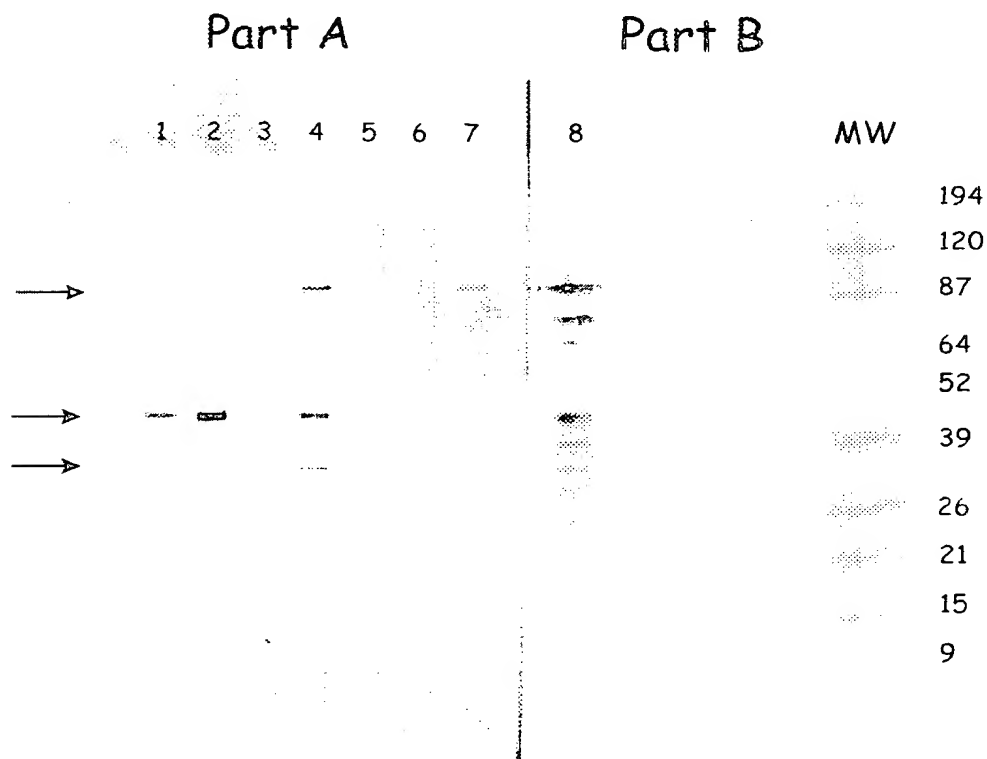
14/17

**Figure 5 : Immunogenicity of the native BASB030 polypeptide. Analysis of the anti-native BASB030 polypeptide response on whole cells by Elisa.**



15/17

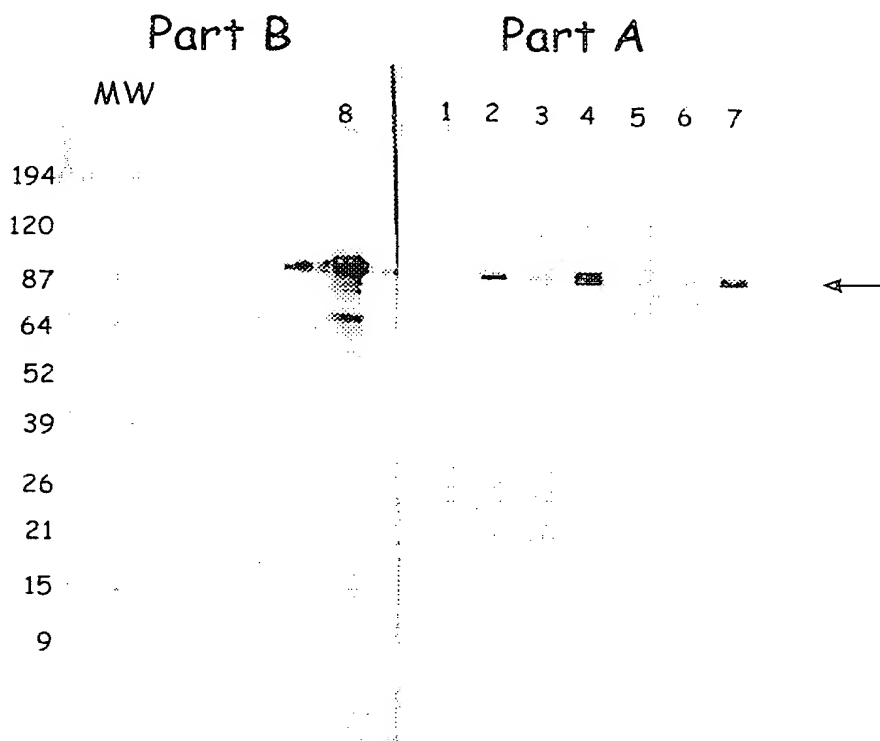
**Figure 6 : Anti-BASB030 antibodies in human convalescent sera (part A) and in immunized mice (part B) by western-blotting using native BASB030 into the gel.**



Lanes :  
 1 : convalescent serum n° 262068  
 2 : convalescent serum n° 261732  
 3 : convalescent serum n° 262117  
 4 : convalescent serum n° 261659  
 5 : convalescent serum n° 261469  
 6 : convalescent serum n° 261979  
 7 : convalescent serum n° 261324  
 8 : pool of mice sera imunized with the homolog BASB030 protein from Neisseria gonorrhoeae.

16/17

**Figure 7 : Anti-BASB030 antibodies in human convalescent sera (part A) and in immunized mice (part B) by western-blotting using recombinant BASB030 protein into the gel.**



Lanes :

- 1 : convalescent serum n° 262068
- 2 : convalescent serum n° 261732
- 3 : convalescent serum n° 262117
- 4 : convalescent serum n° 261659
- 5 : convalescent serum n° 261469
- 6 : convalescent serum n° 261979
- 7 : convalescent serum n° 261324
- 8 : pool of mice sera imunized with the homolog BASB030 protein from Neisseria gonorrhoeae.



17/17

Figure 8 : Protective effect of the anti-BASB030 antibodies in the passive protection model

